

Appendix VI

Alignment of instant SEQ ID NO: 1 (nucleotides 770-1310) with SEQ ID NO: 1 of Sisk et al.

Score = 994 bits (538), Expect = 0.0
Identities = 540/541 (99%), Gaps = 0/541 (0%)
Strand=Plus/Plus

Query	770	GCCAAGAGTGACGTAAGTACCGCCTATAGAGTCTATAGGCCACCCCTTGGCTTCTTAT	829
Sbjct	713	GCCAAGAGTGACGTAAGTACCGCCTATAGAGTCTATAGGCCACCCCTTGGCTTCTTAT	772
Query	830	GCATGCTATACTGTTTTTGGCTTGGGGTCTATACACCCCGCTTCCTCATGTTATAGGTG	889
Sbjct	773	GCATGCTATACTGTTTTTGGCTTGGGGTCTATACACCCCGCTTCCTCATGTTATAGGTG	832
Query	890	ATGGTATAGCTTAGCCTATAGGTGTGGGTATTTGACCAATTATTGACCACTCCCTTATTGG	949
Sbjct	833	ATGGTATAGCTTAGCCTATAGGTGTGGGTATTTGACCAATTATTGACCACTCCCTTATTGG	892
Query	950	TGACGATACTTTCCATTACTAATCCATAACATGGCTCTTTGCCACAACCTCTCTTTATTGG	1009
Sbjct	893	TGACGATACTTTCCATTACTAATCCATAACATGGCTCTTTGCCACAACCTCTCTTTATTGG	952
Query	1010	CTATATGCCAATACACTGTCTCTTCAGAGACTTGACACGGACTCTGTATTTTTACAGGATGG	1069
Sbjct	953	CTATATGCCAATACACTGTCTCTTCAGAGACTTGACACGGACTCTGTATTTTTACAGGATGG	1012
Query	1070	GGTCTCATTATTATTATTTACAAATTCACATATACAACACCACCGTCCCAGTGCCCGCAGT	1129
Sbjct	1013	GGTCTCATTATTATTATTTACAAATTCACATATACAACACCACCGTCCCAGTGCCCGCAGT	1072
Query	1130	TTTTATTAAACATAACGTGGGATCTCCACGCGAATCTCGGGTACGTGTTCCGGAACGGTG	1189
Sbjct	1073	TTTTATTAAACATAACGTGGGATCTCCACGCGAATCTCGGGTACGTGTTCCGGAACGGTG	1132
Query	1190	GAGGGCAGTGTAGTCTGAGCAGTACTCGTTGCTGCCGCGCGCGCCACCAGACATAATAGC	1249
Sbjct	1133	GAGGGCAGTGTAGTCTGAGCAGTACTCGTTGCTGCCGCGCGCGCCACCAGACATAATAGC	1192
Query	1250	TGACAGACTAACAGACTGTTCCCTTCCATGGGTCTTTTCTGCAGTCACCGTCCTTCACAC	1309
Sbjct	1193	TGACAGACTAACAGACTGTTCCCTTCCATGGGTCTTTTCTGCAGTCACCGTCCTTCACAC	1252
Query	1310	G 1310	
Sbjct	1253	G 1253	